

FUNGOS FITOPATOGÊNICOS

184-1 Variabilidade de isolados de *Magnaporthe oryzae* em arroz irrigado no Brasil (Variability of isolates of *Magnaporthe oryzae* on irrigated rice from Brazil)

Autores: **GONCALVES, F. J.** - fabiogoncalvesufg@gmail.com (EMBRAPA - Embrapa arroz e feijão); **LOBO, V. L. S.** (EMBRAPA - Embrapa arroz e feijão); **PRABHU, A. S.** (EMBRAPA - Embrapa arroz e feijão); **FILIPPI, M. C.** (EMBRAPA - Embrapa arroz e feijão)

Resumo

Pyricularia oryzae (*Magnaporthe oryzae*, teleomorfo), causador da brusone, possui uma variabilidade acentuada atribuída a mutação, recombinação parassexual, deleções de genes Avr e inserções de elementos de transposição. Objetivando rastrear a variabilidade genética de *M. oryzae* em regiões produtoras de arroz irrigado no Brasil, este trabalho foi realizado utilizando-se 18 marcadores microssatélites. Foram selecionados 235 isolados monospóricos obtidos de oito cultivares de arroz irrigado coletados em RS, TO, MS e SC, os quais tiveram seus patótipos determinados. Estes isolados tiveram seus micélios crescidos em meio líquido seguidos de filtragem, congelamento e liofilização para extração e amplificação de DNA em gel de poliacrilamida. Os dados de polimorfismo foram submetidos à análise pelo programa Structure para determinar a existência de estrutura populacional. A distância genética de Nei foi determinada com o auxílio do programa Genetix e a análise de variância molecular com o programa Arlequin. Entre os 235 isolados predominou o grupo patogênico A, sendo agrupados em seis subpopulações (K= 6). De acordo com a AMOVA, foi detectada uma variabilidade de 42.19 % entre as subpopulações e 57.81% dentro das subpopulações. Dos 18 locos estudados, 10 foram polimórficos. Segundo o cálculo das distâncias genéticas de Nei, as subpopulações 1 e 3 são as mais distantes entre si e, as mais próximas, 3 e 5. Os marcadores SSR utilizados neste estudo indicaram agrupamentos determinados por cultivar de origem do isolado.